

宮崎県で発生した新型コロナウイルスの分子疫学調査（第一報）

微生物部 ○三好 めぐみ、宮原 加奈、西田 倫子、三浦 美穂、吉野 修司、杉本 貴之
黒田 誠（国立感染症研究所病原体ゲノム解析研究センター）

1 はじめに

新型コロナウイルス感染症(COVID-19)は SARS-CoV-2 により引き起こされる。感染経路は飛沫感染と接触感染で、潜伏期間は1日～14日、感染可能期間は発症2日前から発症後7～10日間程度と考えられている¹⁾。

COVID-19は、2019年12月に中国の湖北省武漢市で発生が確認され、瞬く間に世界中に広がり、パンデミックを起こした。日本においては、2020年1月15日に、初めて患者が確認された。宮崎県においては、2020年3月4日に初めて患者が確認され、2021年1月31日までに1820件の陽性が報告されている。

また、2020年3月より国立感染症研究所病原体ゲノム解析センターで、国内のSARS-CoV-2の解析を行っており、宮崎県の検体も病原体ゲノム解析センターに送付している。今回得られた解析データから宮崎県のハプロタイプ・ネットワーク図を作成すると共に、疫学情報とネットワーク図を照らし合わせて得られた知見を報告する。

2 対象

2020年3月から2020年10月までに、当所でSARS-CoV-2陽性となった患者検体のうち、全ゲノム解析には一定濃度以上のゲノム量が必要なことから、Ct値32未満で、病原体ゲノム解析センターにて解析できた114検体を対象とした。

3 方法

「感染研・地衛研専用」SARS-CoV-2遺伝子検出・ウイルス分離マニュアルVer.1.0に従い、リアルタイム one-step RT-PCR法にて検査を行った。なお試薬にはTaqMan Fast Virus 1-Step Master Mixを用いた。陽性であった検体を病原体ゲノム解析センターに送付し、次世代シーケンサーにて解析、ハプロタイプ・ネットワーク図を作成したものから、宮崎県のデータのみを抽出し、疫学情報と照らし合わせた。

4 結果

宮崎県のハプロタイプ・ネットワーク図を図1に示す。

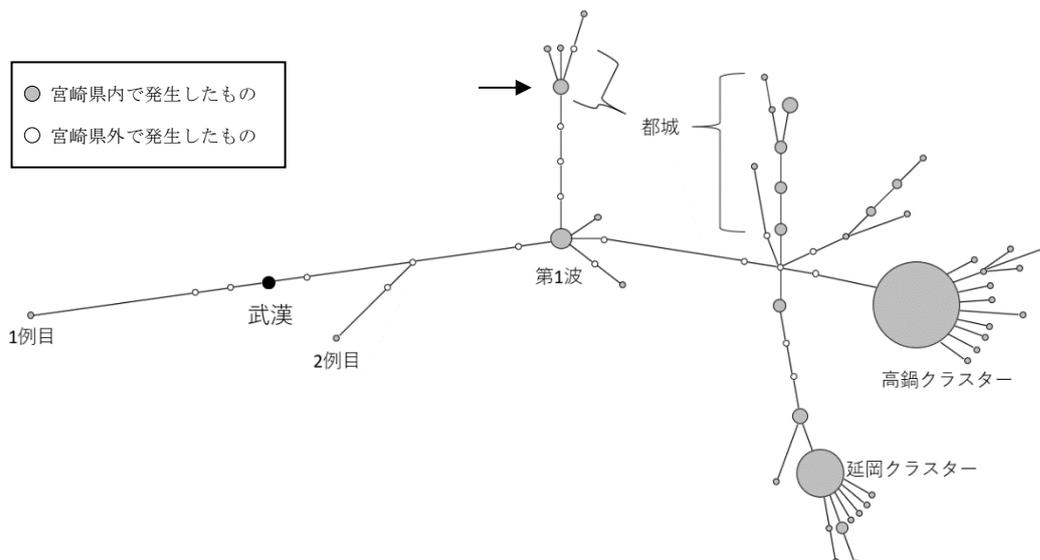


図1 宮崎県のハプロタイプ・ネットワーク図

2020年3月4日に宮崎市保健所管内で1例目が発生し、次いで3月16日に高千穂保健所管内で2例目が確認された。疫学情報より、1例目はアメリカロサンゼルス、2例目はイギリスへの滞在歴があり、ゲノム解析でも他の検体とは離れたところに位置していた。

7月から第2波が始まり、7月末に高鍋保健所管内でクラスターが発生した。このクラスターでは、39名中5名は管外であったが、疫学情報から全て高鍋保健所管内の陽性者と関連があった。また、このクラスターと同一ゲノムの集団を解析すると、地方別では九州が63%、次いで関西が31%であった。また宮崎県は全国の59%であった(図2)。

8月上旬には延岡保健所管内でもクラスターが発生し、25名中2名が日向保健所管内で、この2名は延岡の陽性者の接触者だった。

また、都城保健所管内では、2系統のウイルスが存在していることが判明した。図1で示した矢印の集団と同一ゲノムの集団を解析すると、九州が77%、関東が16%を占めていた。宮崎県は全国の2%であった(図3)。

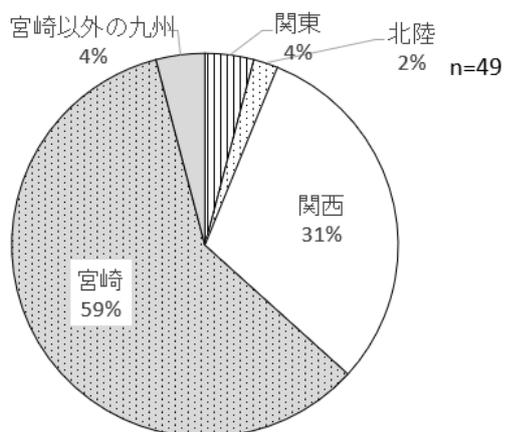


図2 高鍋クラスターと同一ゲノムに属する地方別の割合

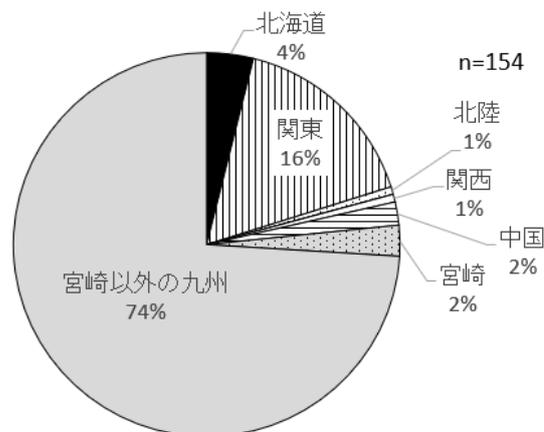


図3 都城保健所管内で発生した集団と同一ゲノムに属する地方別の割合

5 考察

今回は、新型コロナウイルス感染者等情報把握・管理システム(HER-SYS)と、各保健所からの提供名簿等からの疫学情報をネットワーク図と照らし合わせた。感染経路を特定できなかった事例が多かったことから、ネットワーク図を完成させるためには各保健所の協力と詳細な疫学情報が必要である。

陽性検体において、Ct値の低い(コピー数が高い)ものはRNA断片が短くても解析が可能だが、Ct値が高い(コピー数が低い)場合は長いRNA断片が必要となるため解析が厳しい²⁾。また、全国の陽性になった全ての検体が病原体ゲノムセンターに送付されているわけではないため、全国のデータの不足や偏りがあり、特定のゲノムの流行している地域が限定的なのか全国的なのか、正確な情報を掴むことが困難である。

今後、保険適用検査の普及により、全国及び宮崎県のデータを得ることがさらに困難になると予想されるが、ゲノム解析により得られる知見も多いことから、積極的な調査と情報収集が求められる。

謝辞

本調査の実施にあたり、ご協力いただきました県内各保健所の関係各位に深謝いたします。

参考文献

- 1) 加藤康幸, 他. 新型コロナウイルス感染症 COVID-19 診療の手引き 2020 ; 第4版 : 6.
- 2) Kentaro I, Tsuyoshi S, Makoto K, et al. nCoV-2019 sequencing protocol for illumina V.2. protocols.io 2020 ; Apr 08 : 1.